# Task1

Изображение выглядит как текст, электроника, снимок экрана, Веб-сайт

Автоматически созданное описание

# Task2

<http://www.oxfordjournals.org/nar/database/c/>

# Task3

Baza danych NCBI GenBank jest codziennie aktualizowana o 21:00 Eastern Standard Time (EST), z wyjątkiem niedziel.

# Task4

Nazwa tej bazy danych to TCGA (The Cancer Genome Atlas) - Atlas Genomu Raka - Metylacja i Ekspresja Genów w Raku.

# Task5

Dla 23 zarejestrowanych alleli aspiryna zwiększa ryzyko chorób autoimmunologicznych, podczas gdy dla 6 alleli je obniża.

# Task6

Fusarium poae (155) Rhizopus arrhizus (96) Rhizopus stolonifer (54) Blumeria graminis f. sp. tritici (33) Fusarium sp. (30) Puccinia triticina (26) Puccinia striiformis f. sp. tritici (22) Epicoccum nigrum (18) Fusarium sporotrichioides (16) Fusarium avenaceum (14) Lactobacillus helveticus (9) Fusarium culmorum (6) Pichia kudriavzevii (4) Fusarium graminearum (3) Aureobasidium pullulans (3) Rhizopus microsporus (3) Fusarium equiseti (2) Fusarium oxysporum (2) Alternaria sp. (2) Rhizoctonia solani (2) Wszystkie pozostałe taksony (7)

# Task7

GCGGCGAGTGAGCGGCAGAGCTCAGATTTGAAATCGTGCTTTGCGGCACGAGTTGTAGATTGCAGGTTGG AGTCTGTGTGGAAGGCGGTGTCCAAGTCCCTTGGAACAGGGCGCCCAGGAGGGTGAGAGCCCCGTGGGAT GCCGGCGGAAGCAGTGAGGCCCTTCTGACGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCCAAGCGGGTGGTAA ATTCCATCTAAGGCTAAATACTGGCGAGAGACCGATAGCGAACAAGTACTGTGAAGGAAAGATGAAAAGC ACTTTGAAAAGAGAGTGAAACAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGTATTGCGCCCGACATGGGGAT TGCGCACCGCTGCCTCTCGTGGGCGGCGCTCTGGGCTTTCCCTGGGCCAGCATCGGTTCTTGCTGCAGGA GAAGGGGTTCTGGAACGTGGCTCTTCGGAGTGTTATAGCCAGGGCCAGATGCTGCGTGCGGGGACCGAGG ACTGCGGCCGTGTAGGTCACGGATGCTGGCAGAACGGCGCAACACCGCCCGTCTTGAAAC

AGCGGCAAGAGCTCAGATTTGAAATCGTGCTTTGCGGCACGAGTTGTAGATTGCAGGTTGGAGTCTGTGT GGAAGGCGGTGTCCAAGTCCCTTGGAACAGGGCGCCCAGGAGGGTGAGAGCCCCGTGGGATGCCGGCGGA AGCAGTGAGGCCCTTCTGACGAGTCGAGTTGTTTGGGAATGCAGCTCCAAGCGGGTGGTAAATTCCATCT AAGGCTAAATACTGGCGAGAGACCGATAGCGAACAAGTACTGTGAAGGAAAGATGAAAAGCACTTTGAAA AGAGAGTGAAACAGCACGTGAAATTGTTGAAAGGGAAGGGTATTGCGCCCGACATGGGGATTGCGCACCG CTGCCTCTCGTGGGCGGCGCTCTGGGCTTTCCCTGGGCCAGCATCGGTTCTTGCTGCAGGAGAAGGGGTT CTGGAACGTGGCTCTTCGGAGTGTTATAGCCAGGGCCAGATGCTGCGTGCGGGGACCGAGGACTGCGGCC GTGTAGGTCACGGATGCTGGCAGAACGGCGCAACACCGCCCGTCTTGAAC

CTACACTGCGTGAGCGGACGAAAACAACAACACCTAAAATGTGGAATATAGCATATAGTCGACAAGAGAA ATCTACGGACAAGAGAAATCTACGAAAAAACAAACAAAACTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCAT CGATGAAGAGCGCAGCGAAATGCGATACCTAGTGTGAATTGCAGCCATCGTGAATCATCGAGTTCTTGAA CGCACATTGCGCCCCTCGGCATTCCGGGGGGCATGCCTGTTTGAGCGTCGTTTCCATCTTGCGCGTGCGC AGAGTTGGGGGAGCGGAGCGGACGACGTGTAAAGAGCGTCGGAGCTGCGACTCGCCTGAAAGGGAGCGAA GCTGGCCGAGCGAACTAGACTTTTTTTCAGGGACGCTTGGCGGCCGAGAGCGAGTGTTGCGAGACAACAA AAAGCTCGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAACTTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGGAT CATTACTGTGATTTAGTA

AAACAACAACACCTAAAATGTGGAATATAGCATATAGTCGACAAGAGAAATCTACGAAAAACAAACAAAA CTTTCAACAACGGATCTCTTGGTTCTCGCATCGATGAAGAGCGCAGCGAAATGCGATACCTAGTGTGAAT TGCAGCCATCGTGAATCATCGAGTTCTTGAACGCACATTGCGCCCCTCGGCATTCCGGGGGGCATGCCTG TTTGAGCGTCGTTTCCATCTTGCGCGTGCGCAGAGTTGGGGGAGCGGAGCGGACGACGTGTAAAGAGCGT CGGAGCTGCGACTCGCCTGAAAGGGAGCGAAGCTGGCCGAGCGAACTAGACTTTTTTTCAGGGACGCTTGGCGGCCGAGAGCGAGTGTTGCGAGACAACAATAAGCTCGACCTCAAATCAGGTAGGAATACCCGCTGAAC TTAAGCATATCAATAAGCGGAGGAAAAGGATCATTACTGTGATTTAGTA

# Task8

JX669571

# Task9

2009, Wewnątrzkomórkowe i błonowe receptory kwasu abscysynowego. , Postępy Biologii Komórki, P. Wasąg, S. Wojciech Kowalczyk | Artykuł

# Task10

Jest to najnowsza publikacja tego autora.

# Task11

W genomie człowieka znajduje się 19,872 kodujących genów białkowych.

# Task12

Nasze początkowe szacunki wynosiły około 30 000-40 000, bazując na analizie sekwencji DNA.

# Task13

Rozmiar chromosomu 22 wynosi 50,818,468 par zasad (bp).

# Task14

W miarę wzrostu.

# Task15

1. Homo sapiens chromosom 1, GRCh38.p14 Primary Assembly 248,956,422 bp liniowego DNA

NC\_000001.11 GI:568815597

2. Homo sapiens chromosom 2, GRCh38.p14 Primary Assembly 242,193,529 bp liniowego DNA

NC\_000002.12 GI:568815596

3. Homo sapiens chromosom 3, GRCh38.p14 Primary Assembly 198,295,559 bp liniowego DNA

NC\_000003.12 GI:568815595

4. Homo sapiens chromosom 4, GRCh38.p14 Primary Assembly 190,214,555 bp liniowego DNA

NC\_000004.12 GI:568815594

5. Homo sapiens chromosom 5, GRCh38.p14 Primary Assembly 181,538,259 bp liniowego DNA

NC\_000005.10 GI:568815593

6. Homo sapiens chromosom 6, GRCh38.p14 Primary Assembly 170,805,979 bp liniowego DNA

NC\_000006.12 GI:568815592

7. Homo sapiens chromosom 7, GRCh38.p14 Primary Assembly 159,345,973 bp liniowego DNA

NC\_000007.14 GI:568815591

8. Homo sapiens chromosom X, GRCh38.p14 Primary Assembly 156,040,895 bp liniowego DNA

NC\_000023.11 GI:568815575

9. Homo sapiens chromosom 8, GRCh38.p14 Primary Assembly 145,138,636 bp liniowego DNA

NC\_000008.11 GI:568815590

10. Homo sapiens chromosom 9, GRCh38.p14 Primary Assembly 138,394,717 bp liniowego DNA

NC\_000009.12 GI:568815589

11. Homo sapiens chromosom 11, GRCh38.p14 Primary Assembly 135,086,622 bp liniowego DNA

NC\_000011.10 GI:568815587

12. Homo sapiens chromosom 10, GRCh38.p14 Primary Assembly 133,797,422 bp liniowego DNA

NC\_000010.11 GI:568815588

13. Homo sapiens chromosom 12, GRCh38.p14 Primary Assembly 133,275,309 bp liniowego DNA

NC\_000012.12 GI:568815586

14. Homo sapiens chromosom 13, GRCh38.p14 Primary Assembly 114,364,328 bp liniowego DNA

NC\_000013.11 GI:568815585

15. Homo sapiens chromosom 14, GRCh38.p14 Primary Assembly 107,043,718 bp liniowego DNA

NC\_000014.9 GI:568815584

16. Homo sapiens chromosom 15, GRCh38.p14 Primary Assembly 101,991,189 bp liniowego DNA

NC\_000015.10 GI:568815583

17. Homo sapiens chromosom 16, GRCh38.p14 Primary Assembly 90,338,345 bp liniowego DNA

NC\_000016.10 GI:568815582

18. Homo sapiens chromosom 17, GRCh38.p14 Primary Assembly 83,257,441 bp liniowego DNA

NC\_000017.11 GI:568815581

19. Homo sapiens chromosom 18, GRCh38.p14 Primary Assembly 80,373,285 bp liniowego DNA

NC\_000018.10 GI:568815580

20. Homo sapiens chromosom 20, GRCh38.p14 Primary Assembly 64,444,167 bp liniowego DNA

NC\_000020.11 GI:568815578

21. Homo sapiens chromosom 19, GRCh38.p14 Primary Assembly 58,617,616 bp liniowego DNA

NC\_000019.10 GI:568815579

22. Homo sapiens chromosom Y, GRCh38.p14 Primary Assembly 57,227,415 bp liniowego DNA

NC\_000024.10 GI:568815574

23. Homo sapiens chromosom 22, GRCh38.p14 Primary Assembly 50,818,468 bp liniowego DNA

NC\_000022.11 GI:568815576

24. Homo sapiens chromosom 21, GRCh38.p14 Primary Assembly 46,709,983 bp liniowego DNA

NC\_000021.9 GI:568815577

25. Homo sapiens mitochondrium, kompletny genom 16,569 bp cyrkularnego DNA NC\_012920.1 GI:251831106

# Task16

239,954 wyników.

# Task17

2 wynika.

# Task18

A=0.326459/24474 (ALFA) A=0.28169/120 (SGDP\_PRJ) A=0.306872/81226 (TOPMED)

A=0.309437/43359 (GnomAD) G=0.310185/67 (Vietnamese) G=0.313452/247 (PRJEB37584)

A=0.322276/1195 (TWINSUK) A=0.323819/1248 (ALSPAC) A=0.324074/70 (Qatari)

G=0.337201/988 (KOREAN) A=0.34/204 (NorthernSweden) A=0.342685/342 (GoNL) A=0.35/14

(GENOME\_DK) A=0.361111/13 (Siberian) A=0.364063/1631 (Estonian) G=0.373416/6258

(TOMMO) A=0.378357/1895 (1000Genomes) A=0.5/14 (PRJEB36033)

# Task19

MAF (Minor Allele Frequency) to jedna z miar częstości występowania alleli w populacji. MAF określa częstość występowania mniej powszechnego allelu w populacji, a więc allelu występującego u mniejszej liczby osobników.

# Task20

African

# Task21

GGKYTRRGGTTAGCTTTYRAGTTTTTTGATTTTKGATTTTTGTCTTTTTAGCTGTTATTW RTCAAACCTTYDBGGGDRAAAGAAVTGMARTCACCACAGGRCAGAAACCBTAAGGGAAAA YAWTAAYAYTAGCTAAGAACATAAAAGAAYAYACARTTRCTTAATCATATAADTGTCTGA MGTTAAYTGTCCATYYAATTGTGATTTSTACCCAGAAGGRCHRAGCYTGTRYACTYTTCA YGGYYYAGAGYSAATRTCYTGTCYMARCTTCTCCTGCYRRCYCMCHVYGBTCTCCACRTC ASTGDGTYAYCKCAAGAAAAMGCCCCTCCAAGRRGHCTSRTYCCYYACACYTHDGGHACA GMATTCRYGGAAWGGAAARSYRTABDGRACATRCCYRABRDTCYTCAVTYCCACAGAWAC AGGGAGRRGCTGGGAAGCTCWTTCTACRGATGSRGWAACAGYTCAARYCAGGCCYCCYGT GCCTRTCAGCCTTYYTCSCAGTCCARYRYTCCYGASAGAYGTTTGGYTGCCYCAGTGRHG GGRYRCTCCTTTCTTTYYCAGGTTRSCARTTCTGKTYCAGRYAKYTRYTYAGMAAGYCCC TATTCCTCCTGAGTSCAGCTCTTCAYGGCYATCCCTKYCCYRTCTYASTCACCYYTMTGC TCCCATTTTCCAYRTRTTTGGCAAGCACYKGTTGAGYTAYMAATGACTGTGCAGVCTTGT GYCASGSATCCCCTGGGGTAAAAGGCRTMCCCTGGMGYTGTGYCACAAAASAGMCCACAC AWTRGACTTRGGCTTAACAAG

# Task22

Mikroorganizm NRRL 26941 to gatunek bakterii o nazwie Streptomyces sp.

# Task23

Genom tego organizmu ma wielkość 9,63 Mb.

# Task24

W rekordzie genomu NRRL 26941 znajduje się informacja, że Contig N50 wynosi 370,508 bp (baz par). Contig N50 jest to miara jakości montażu genomowego i oznacza długość, do której zmontowane sekwencje DNA (contigi) reprezentują połowę całkowitej długości genomu.

# Task25

Nazwa enzymu: Pepsyna Numer rekordu: PEPA\_HUMAN

# Task26

Jej kofaktorem jest kation wapnia (Ca2+). Kofaktor to nieorganiczna lub organiczna substancja niezbędna do aktywności enzymu.

# Task27

Phyre2, który korzysta z bazy danych PDB (Protein Data Bank) oraz różnych algorytmów bioinformatycznych do przewidywania struktury białek. Można również korzystać z baz danych takich jak SWISS-MODEL, I-TASSER, czy RaptorX.

# Task28

Wyszukując rekordy na podstawie numeru EC enzymu, można otrzymać wyniki dla różnych gatunków, w tym także dla organizmów innych niż człowiek. Powodem tego jest fakt, że klasyfikacja enzymów według numeru EC (Enzyme Commission) jest uniwersalna i stosowana dla wszystkich organizmów, a nie tylko dla człowieka.

# Task29

3000 genów.

# Task30

Gen DRD3 koduje receptor dopaminowy D3.

# Task31

Przykładem takiego polimorfizmu jest rs6280, który może wpływać na funkcjonowanie mózgu i związany jest z różnymi fenotypami, takimi jak uzależnienie od nikotyny i depresja.

# Task32

W bazie danych NCBI VIRUSES sekwencja referencyjna genomu wirusa SARS-CoV-2 oznaczona jako Wuhan-Hu-1 ma wielkość 29,903 nt i jest zbudowana z RNA.

# Task33

26.12.2019

# Task34

MFVFLVLLPLVSSQCVNLTTRTQLPPAYTNSFTRGVYYPDKVFRSSVLHSTQDLFLPFFSNVTWFHAISGTNGTKRFDNPVLPFNDGVYFASTEKSNIIRGWIFGTTLDSKTQSLLIVNNATNVVIKVCEFQFCNDPFLGVYYHKNNKSWMESEFRVYSSANNCTFEYVSQPFLMDLEGKQGNFKNLREFVFKNIDGYFKIYSKHTPINLVRDLPQGFSALEPLVDLPIGINITRFQTLLALHRSYLTPGDSSSGWTAGAAAYYVGYLQPRTFLLKYNENGTITDAVDCALDPLSETKCVKSTCYN